

Segmentation spectrale d'images IRM cérébrales par la méthode des coupes de graphes

VICTOR CHEN, SU RUAN

CReSTIC

IUT Troyes, Université de Reims

9 rue de Québec, 10026 Troyes Cedex

victor.chen-yuan@univ-reims.fr, su.ruan@univ-reims.fr

Résumé – Nous présentons une méthode spectrale des graphes appliquée à la segmentation d'images IRM (Imagerie par Résonance Magnétique). Nous proposons ici un mode d'approche de segmentation régions qui s'appuie sur les caractéristiques des valeurs propres pour classifier les tissus cérébraux. L'objectif visé consiste à extraire efficacement les contours des lésions présentes sur des clichés d'images dans le but d'apporter des informations visuelles pour l'aide au diagnostic. Nous étendons enfin cette approche pour réaliser une topographie volumique de la tumeur en mettant en correspondance les contours 2D. Cette reconstruction 3D constitue un apport diagnostique important pour l'étude temporelle des tumeurs cérébrales dans le cadre de suivi clinique de patients sous traitements pharmaceutiques.

Abstract – A method of spectral graph is presented to IRM image segmentation. We here propose an approach to region segmentation which based on the eigenvalue kind to classify brain tissue. The objective consists of efficiency tumor contour extraction shown in standard IRM sequences in order to bring visual information for diagnosis help. Our approach is extended to build volume topography of the lesion by matching 2D contours. This 3D representation provides an important diagnosis for temporal study of tumour brain in the case of a patient under pharmaceutical treatments.

1 Introduction

Dans le cadre de l'étude sur la segmentation des images anatomiques normales ou pathologiques, nous proposons de segmenter des lésions ou tumeurs sur des coupes axiales d'IRM à l'aide des graphes. Le but recherché consiste à la détection et à l'extraction de façon supervisée les zones pathologiques. La littérature est riche sur la segmentation d'images IRM cérébrales. Les méthodes classiques utilisaient la segmentation multimodale paramétrique qui met en œuvre l'algorithme Expectation-Maximization (EM) [1, 2]. En vue de réaliser une segmentation précise et fiable sur d'éventuelles pathologies, des méthodes de contours actifs [3, 4] qui se basent sur la minimisation fonctionnelle d'énergie d'un processus complexe ont été introduites pour gérer au mieux le problème de topologie des structures cérébrales. Dans cet article, nous nous intéressons à une segmentation régions à l'aide des graphes [5, 6]. Cette méthode apparaît être en adéquation avec l'objectif de notre travail qui est le suivi et la planification thérapeutique. Elle permet de libérer le radiologue de cette tâche fastidieuse qui consiste à déterminer les paramètres (taille, forme et position) d'une lésion ou tumeur à partir des données IRM. Délaissés depuis des années à cause de la complexité de mise en œuvre et de la difficulté de trouver des algorithmes efficaces et rapides, l'utilisation des graphes trouve de nos jours pleinement sa place dans les systèmes de vision par ordinateur avec l'émergence des calculateurs de plus en plus puissants et la bonne maîtrise des modèles de conception des graphes. Le choix des coupes de graphes [5, 7] est lié à sa capacité de segmenter l'image moyennant une analyse spectrale [8] qui

utilise les vecteurs propres et le modèle de dépendance entre objets présents sur une image, notamment à leur répartition spatiale comme information potentielle pour la description d'une image. Le contenu de cet article est organisé comme suit : nous présentons le modèle proposé dans la section 2 ; nous présentons un aperçu des résultats expérimentaux dans la section 3 ; nous concluons en dernière partie les perspectives d'évolution pour cet outil dans son contexte futur de représentation 3D.

2 Segmentation d'images avec des coupes de graphes

La segmentation d'images résulte de la classification des pixels similaires. Ce résultat implique un partitionnement de l'image sous la forme de classes. Cette procédure de regroupement peut être associée à un graphe de pixels ou de points caractéristiques où les sommets représentent les pixels et les arêtes relient les pixels voisins pour former une connexité discrète. A partir delà, l'objectif est de trouver un modèle d'algorithmes permettant de réaliser une segmentation de l'image qui soit proche de la perception humaine basée sur des mesures globales et non sur des propriétés locales. La théorie des graphes apparaît être un moyen pour parvenir à cette représentation.

2.1 Analyse par spectral clustering

Etant donné un nuage de points représentant les caractéristiques d'une image, nous pouvons construire un graphe pondéré noté $G = (V, E, W)$ où V et E sont

respectivement les nœuds et les arêtes du graphe, et W représente le graphe de maillage qui confronte tous les sommets du graphe. Dans le cas de traitement d'images, le graphe de maillage est obtenu en calculant le score fourni par la multiplication des fonctions caractéristiques :

$$W_{i,j} = \exp - \frac{\|I_i - I_j\|^2}{2\sigma_I^2} \begin{cases} \exp - \frac{\|X_i - X_j\|^2}{2\sigma_X^2} & \text{si } d(X_i, X_j) \leq R \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (1)$$

où X_i et I_i représentent respectivement la position et l'intensité du pixel, σ_I et σ_X les facteurs d'échelle contrôlant l'affinité entre les pixels et l'affinité entre les sites, $d(\cdot)$ la distance euclidienne entre deux pixels et un paramètre R fixé a priori.

Dans le procédé de décomposition, on cherche à partitionner le graphe en deux ensembles de points A et B en séparant les contours connectés en deux parties. Cette procédure de séparation peut être obtenue en calculant la somme totale des critères :

$$\text{Cut}(A, B) = \sum_{u \in A, v \in B} W(u, v). \quad (2)$$

2.2 Les coupes de graphes normalisées

Dans de nombreux problèmes de vision, une des facettes les plus attrayantes des coupes de graphes est la recherche de coupe minimale en calculant :

$$\text{MinCut}(A, B) = \min(\text{Cut}(A, B)) \quad (3)$$

Malheureusement les résultats du partitionnement donnés par cette technique ont montré des limites [5], le modèle favorise le regroupement de points isolés et accroît le nombre d'arêtes de la coupe tout en entraînant un sur-partitionnement de l'image. Pour remédier à ce partitionnement biaisé, Shi et Malik [5] proposent une nouvelle coupe de graphe dite normalisée qui supprime l'influence du nombre d'arêtes dans la coupe :

$$\text{NCut}(A, B) = \frac{\text{Cut}(A, B)}{\text{Asso}(A, V)} + \frac{\text{Cut}(A, B)}{\text{Asso}(B, V)} \quad (4)$$

$$\text{où } \text{Asso}(A, V) = \sum_{u \in A, t \in V} W(u, t) \text{ et } V = \{A, B\}$$

La finalité de cette coupe normalisée de graphe vise à trouver une partition (A, B) de ce graphe optimisant une quantité qui assure à la fois la cohérence des pixels de A , celle des pixels de B et la dissimilarité des pixels de A par rapport à ceux de B , tout en évitant le biais vers les petites coupes. La recherche de la coupe normalisée minimale est un problème NP-difficile. Cependant, en se plaçant dans le domaine réel, il est possible d'obtenir une solution discrète approximée [5] qui consiste à calculer les vecteurs propres de la matrice d'adjacence moyennant un changement de variable. On peut montrer que la minimisation de la coupe normalisée:

$$\min_x \text{NCut}(x) \text{ revient à minimiser l'expression :} \\ \min_y \frac{y^T (D - W)y}{y^T Dy} \quad (5)$$

où D est la matrice diagonale de W .

La minimisation de l'équation précédente peut être résolue par le système généralisé des vecteurs propres [5] :

$$D^{-\frac{1}{2}} (D - W) D^{\frac{1}{2}} = \lambda y \quad (6)$$

La matrice associée à $L = D - W$ correspond au Laplacien du graphe. Dans la théorie spectrale des graphes [8], une relation est établie entre les caractéristiques combinatoires et les propriétés algébriques de ce laplacien. On y démontre que lorsque les valeurs propres de L sont dans l'ordre croissant, la relation entre la deuxième plus petite valeur propre λ_1 et le nombre isopérimétrique h_g (constante de Cheeger) du graphe correspond à :

$$\frac{h_g}{2} < \lambda_1 < 2h_g \quad (7)$$

où h_g étant la constante qui permet de quantifier l'existence des coupes dans le graphe. En nous plaçant dans le cas de segmentation d'images, l'algorithme de Ncut utilise la valeur propre λ_1 qui contient toutes les informations sur les petites coupes de graphe pour partitionner l'image.

3 Appariement géométrique des contours

Nous nous intéressons dans ce paragraphe à la réalisation « d'une segmentation volumique » de données similaire à une représentation spatio-temporelle. Le but est d'établir dans le développement futur un rendu volumique des structures tumorales dans l'image pour un suivi évolutif des lésions. Pour cela, nous procédons à une mise en correspondance spatiale des contours 2D. A la différence des équations aux différences finies dont la mise en œuvre se heurte avec l'importance des réglages des paramètres et des temps de calculs, notre approche semble réduire la complexité calculatoire du schéma précédent en évitant non seulement la résolution numérique de l'équation d'évolution et l'appel à tout modèle de surface. Pour représenter le pseudo volumique de la tumeur, nous procédons à l'appariement des strates de contours d'images segmentées de façon indépendante. A chaque séquence correspond un résultat de segmentation. La phase d'appariement consiste à mettre en correspondance des points de deux contours successivement obtenus.

Appelons $C_1 = \{p_1(i), i = 1, \dots, L_1\}$ et $C_2 = \{p_2(i), i = 1, \dots, L_2\}$ deux courbes de taille L_1 et L_2 à appairier. La procédure d'appariement employée ici vise à aligner les contours moyennant la transformation affine simplifiée d'Helmert [9]. La méthode d'alignement des contours est obtenue en s'appuyant sur une mesure de dissimilarité entre deux points appartenant à deux contours. Elle est donnée par l'expression suivante :

$$D_{i,j} = d_{i,j}(k_{i,j})^{\gamma_k} (n_{i,j})^{\gamma_n} \quad (8)$$

où γ_k et γ_n sont des facteurs de pondération et $D_{i,j}$ est un nombre supérieur à l'unité. L'estimation de ce critère de dissimilarité est évaluée à partir de la conjugaison de trois paramètres principaux :

- la distance euclidienne entre deux points :

$$d_{i,j} = 1 + \sqrt{(x_1(i) - x_2(j))^2 + (y_1(i) - y_2(j))^2} ;$$

- la différence de courbure locale au niveau de ces deux

points : $k_{i,j} = 1 + \log\left(1 + \left|\frac{k_1(i) - k_2(j)}{k_1(i) + k_2(j)}\right|\right)$ où $k_1(i)$ et $k_2(j)$ sont

les courbures;

- la différence d'orientation des vecteurs normaux aux courbes en ces deux points :

$$n_{i,j} = 2 - n_1^T(i) * n_2(j) \quad (9)$$

où $n_1(i)$ et $n_2(j)$ sont les vecteurs normaux.

Dans la plateforme établie, ces caractéristiques apparaissent actuellement suffisantes pour une visualisation subjective de l'objet malin. Des effets de bord peuvent être observés lorsque la paire de contours à aligner est très différente. Ce problème peut être résolu en optimisant la méthode de recalage à l'aide des méthodes d'évolution ou de morphing [10].

4 Implémentation et résultats

Cette partie décrit les expériences menées pour la segmentation d'images IRM provenant d'un système d'imagerie 1.5T GE (General Electric) qui utilise une séquence axiale pondérée TI d'un voxel avec une taille de $1 \times 1 \times 1.2 \text{mm}^3$. Dans le cadre de caractérisation des tumeurs cérébrales, la procédure actuelle de segmentation est appliquée en boucle ouverte sur des images avec et sans lésions et ne permet pas de détecter ni localiser les lésions sans l'intervention du radiologue.

Actuellement, la méthode est testée sur des séquences d'images de taille 256×256 sur un portable Fujitsu Siemens muni d'un processeur Intel de 1,7 GHz et d'une RAM de 512Ko. Le traitement global nous fournit une quarantaine de régions avec un temps de calcul inférieur à la minute (figure 1). Pour des images de taille supérieure, nous observons lors des calculs des valeurs propres un dépassement mémoire et un exorbitant temps de calculs. La plateforme actuelle donne une localisation grossière des lésions, mais les résultats d'extraction issus d'une série de coupes montrent néanmoins la pertinence de la coupe de graphe utilisée (figure 2). Ces résultats illustrent l'efficacité de la méthode pour segmenter les tumeurs de formes très variables. Nous résumons dans le tableau 1 les performances de notre approche vis-à-vis des méthodes classiquement rencontrées dans la littérature. Le temps de calculs obtenus par notre approche est semblable à

celui réalisé par Shi et al. [5] mais nettement moins bon par rapport à la technique utilisée par Boykov [7].

Tableau 1 : Comparaison de temps de calculs

Temps (seconds)	NCIS [5]	Boykov [7]	Notre approche
Figure 2 (gauche)	53,86	34,32	48,74
Figure 2 (milieu)	47,42	37,48	45,62

Par ailleurs, Dans le but d'établir dans le développement futur un suivi des thérapies, en particulier une exploration volumique visuelle des structures tumorales dans l'image, nous avons généré, à partir des dynamiques de contours, une représentation tridimensionnelle de la tumeur détectée en réalisant l'appariement temporel des contours 2D. Pour cela, nous réalisons une extraction des contours à différentes coupes de la séquence d'images. Cette opération est obtenue à l'aide des opérateurs morphologiques de détection de contours interne à la forme. L'ensemble de niveau associé à chaque contour permettra d'illustrer la tumeur temporelle grâce à une étude spatiale simplifiée. Il s'agit ici d'un résultat du suivi des contours pertinent qui permet, à la place des méthodes de courbes de niveaux, d'obtenir une segmentation approximative de la tumeur. Dans cette communication, le pseudo volumique de la tumeur est construit grâce à un maillage filaire (figure 3) en mettant en correspondance les strates de contours d'images segmentées de façon indépendante. Nous observons qu'une mesure de dissimilarité $0,24 \leq D_{i,j} \leq 0,47$ fournit une représentation d'appariement de contours sans chevauchement de tracé, ce qui correspond à des résultats satisfaisants.

5 Conclusions et perspectives

Nous avons présenté une application de coupe de graphes normalisée dans le cadre de la segmentation des séquences d'images IRM. L'application visant à l'extraction d'information utile correspondant aux tissus pathologiques d'une coupe de cerveau est traitée. Les résultats obtenus montrent une bonne segmentation des structures anatomiques pour l'ensemble des données à savoir la taille et la position des lésions même si l'évaluation est faite de manière visuelle par des experts médicaux. Une meilleure performance en termes de coûts de calculs peut être réalisée par ajout de mémoires RAM à 1 ou 2 Go et par l'utilisation de calculateurs plus récents d'Intel Core Duo à 2 GHz. Une autre piste à explorer consisterait à adapter la coupe de graphe aux schémas de décomposition en ondelettes qui, par effet de décimation, permet de comprimer et traiter une image de taille réduite. Nous espérons tout simplement que cette opération de sous échantillonnage ne dégrade pas trop les informations pixelliques locales et les frontières des objets à discriminer.

Les résultats concernant le pseudo-volumique sont en cours de validation. Moyennant une transformation géométrique affine simplifiée d'Helmert, la technique d'alignement sur les

différents contours successifs montre une représentation d'appariement sans chevauchement de tracé. L'utilisation de cette représentation 3D devrait donner aux cliniciens une meilleure appréhension des lésions, en particulier le suivi évolutif des organes pathologiques dans le temps du patient sous traitement pharmaceutique.

Références

- [1] L. S. Ait-Ali, S. Prima, G. Edan, C. Barillot, Segmentation longitudinale des lésions de SEP en IRM cérébrale multimodale, 15^{ème} Congrès Francophone AFRIF/AFIA de Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle, RFIA'2006.
- [2] K. Van Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, A. Colchester, P. Suetens, Automated segmentation of multiple sclerosis lesions by model outlier detection, IEEE Transaction on Medical Imaging, 20(8), pp. 677-688, 2001.
- [3] F. Derraz, M. Beladgham, M. Khelif, Application of active contour models in medical image segmentation, proceedings of the International Conference on Information Technology: Coding and Computing, ITCC'2004.
- [4] C. Baillard, P. Heltier, C. Barillot, Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration, Medical Image Analysis, 5(3), pp. 185-194, 2001.
- [5] J. Shi, J. Malik, Normalized cuts and images segmentation, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 20(8), pp. 888-907, 2000.
- [6] P. Soundararajan, S. Sarkar, Investigation of measure for grouping by graph partitioning, CVPR 2001, vol.1, pp. 239-246.
- [7] Y. Boykov, O. Veksler, R. Zabih, Fast Approximate Energy Minimization via Graph Cuts, IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 23, pp. 1222-1239, 2001.
- [8] Fan R. K. Chung, Spectral Graph Theory, Number 92 in CBMS Regional Conference Series in Mathematics, American Mathematical Society, 1997.
- [9] S. Randrianarisoalo, E. Deléchelle, E. petit, Y. Chenoune, J. Garot, A. Rahmouni, Evaluation des déformations du myocarde sur des sequences temporelles d'images IRM par estimation contrainte du flot optique, Gretsi, 20^{ème} Colloque sur le Traitement du Signal et des Images, 2005, pp. 978-981.
- [10] Y. Chenoune, E. Delechelle, E. Petit, T. Goissen, J. Garot, A. Rahmouni, Segmentation of cardiac cine-MR images and myocardial deformation assessment using level set methods, Computerized Medical Imaging and Graphics, 29, pp. 607-616, 2005.

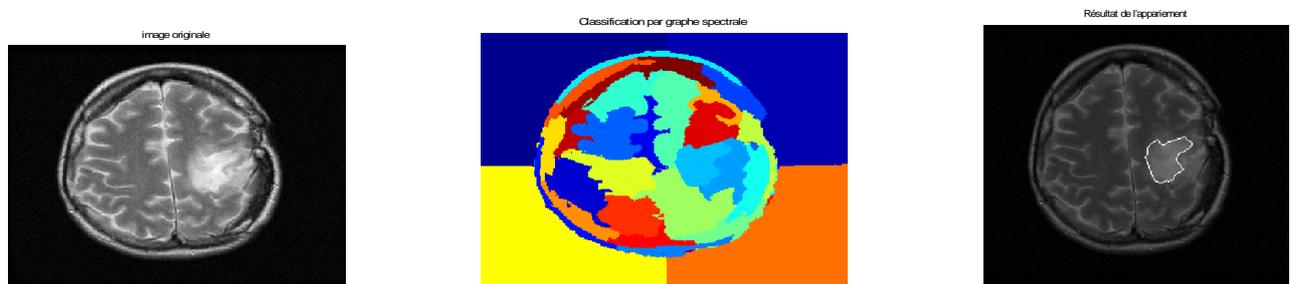


Figure 1– Coupe extraite d'une image IRM (gauche) – Résultat de segmentation région par la coupe de graphe (milieu) – Localisation de la tumeur (droite).

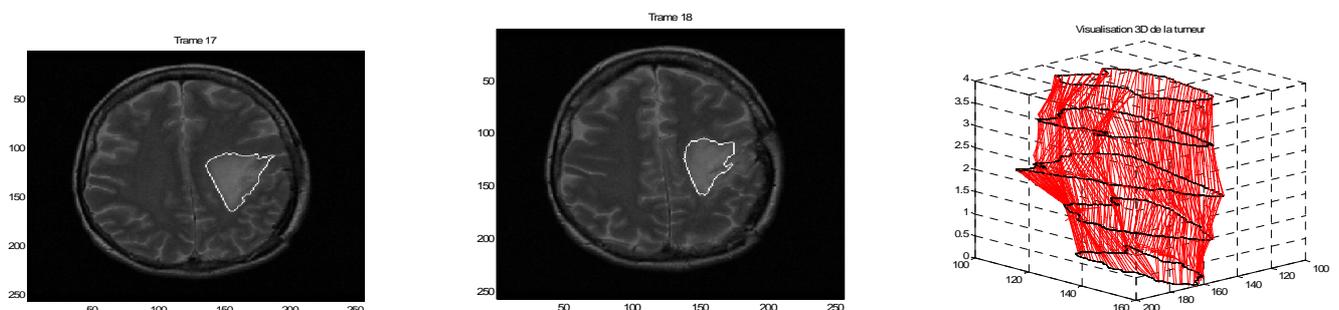


Figure 2 – Illustration de la variabilité des tumeurs détectées (gauche, milieu) – Rendu 3D de la tumeur (droite)